

不同施 N 方式对水稻根际土壤 微生物生态效应的影响

杨 东^{1,2}, 陈鸿飞², 游晴如¹, 王志赋¹, 谢鸿光¹, 卓传营³, 谢华安¹

(1 福建省农业科学院 水稻研究所, 福建 福州 350018; 2 福建农林大学 农业生态研究所, 福建 福州 350002;

3 福建省尤溪县农业局, 福建 尤溪 365100)

[摘要] 【目的】揭示水稻根际土壤微生物数量、微生物生物量 C、N 含量及酶活性的变化规律, 阐明水稻—土壤—微生物之间的协同作用机理。【方法】设总施 N 量为 225 kg/hm², 按基肥+分蘖肥与穗肥的施 N 比例设 N₁、N₂、N₃ 3 种处理, 对应的施 N 比例分别为 8:2, 7:3 和 6:4, 并以全生育期不施肥为空白对照(N₀), 对不同施 N 方式下水稻根际土壤微生物生态效应进行研究。【结果】(1)各处理根际土壤细菌、放线菌、氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌数量和微生物生物量 C、N 含量在水稻移栽后缓慢上升, 到分蘖期达到最大; 然后又逐渐下降, 到孕穗期达最小值; 之后随着水稻继续生长(孕穗期~齐穗期)又逐渐回升。根际土壤脲酶、酸性磷酸酶活性在水稻移栽后逐渐增强, 到孕穗期达最高值; 之后又逐渐下降, 到成熟期达最小值。随着水稻生长, 真菌、反硝化细菌、反硫化细菌数量逐渐减少, 在孕穗期均达最小值; 然后随着水稻继续生长, 其数量又增加。(2)施肥处理水稻根际土壤细菌、放线菌数量, 微生物生物量 C、N 含量及土壤脲酶、磷酸酶活性, 均显著高于不施肥处理; 不施肥处理水稻根际土壤真菌数量显著高于施肥处理。(3)在孕穗期至齐穗期, 施肥处理间根际土壤细菌、放线菌、氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌数量, 均是 N₃ 处理最大, N₂ 处理次之, N₁ 处理最小。【结论】适当增加水稻中、后期施 N 比例, 有利于促进水稻中、后期的根际土壤细菌、放线菌、氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌生长, 间接地提高根际土壤中脲酶、酸性磷酸酶的活性, 为稻株的快速生长创造了良好的根际营养环境和物质基础。

[关键词] 水稻; 施 N 方式; 土壤微生物; 生态效应

[中图分类号] S511.06

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-9387(2008)12-0088-07

Ecological effect of different nitrogen application modes on rhizosphere microbes in soil of rice root

YANG Dong^{1,2}, CHEN Hong-fei², YOU Qing-ru¹, WANG Zhi-fu¹,
XIE Hong-guang¹, ZHUO Chuan-ying³, XIE Hua-an¹

(1 Rice Research Institute, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou, Fujian 350018, China;

2 Institute of Agroecology, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China;

3 Agricultural Bureau of Youxi County, Youxi, Fujian 365100, China)

Abstract: 【Objective】The study was to reveal mutative regularity of rhizosphere microbes, soil microbial metabolic biomass carbon and nitrogen, enzyme activity in rice, to expound concerted effect mechanism among rice, soil and microbe, and to study ecological effect of photosphere microbes in rice under the condi-

* [收稿日期] 2007-12-28

[基金项目] 福建省财政专项-福建省农业科学院科技创新团队建设基金项目(STIF-Y04); 农业部结构调整项目“优质专用水稻新品种选育及高产高效配套技术研究”(06-01-01B); 福建省重大专项“粮食作物种质创新及关键配套技术与示范”(2005NZ1009, 2005NZ1004)

[作者简介] 杨 东(1977-), 男, 福建连江人, 助理研究员, 在读博士, 主要从事水稻育种与高产栽培技术研究。

E-mail: ariston0103@163.com

[通讯作者] 谢华安(1941-), 男, 福建龙岩人, 研究员, 主要从事水稻育种与高产栽培技术研究。E-mail: superice63@163.com

tions of different nitrogen application modes. 【Method】 Total content of N supplies was 225 kg/hm². Three treatments of N₁, N₂ and N₃ were designed according to nitrogen application modes between basal-tillering fertilizer and spike fertilizer, N₁ was 8 : 2, N₂ 7 : 3, and N₃ 6 : 4; Total content of fertilizer supplies was nought in different developmental stages of rice, that was regarded as blank check(N₀). The soil microbial flora and enzyme activity in the rhizosphere of the rice were detected. 【Result】 (1) The amount of bacteria, actinomycetes, ammonifier, nitric acid bacteria, aerobic azotobacter and content of soil microbial metabolic biomass carbon and nitrogen slowly ascended after rice was transplanted, rose to peak at tillering stage in rice and then rapidly declined to the lowest at the booting stage, then went up slowly again during rice growth from booting stage to full heading stage. The activities of soil urease and acid phosphatase were gradually enhanced after rice transplanting. They were the highest at the booting stage, then declined rapidly again during rice growth, and turned to be the lowest at ripening stage. The amount of fungi and denitrifier and desulphate reducer dropped after rice transplanting, and went down to the lowest at the booting stage, then increased slowly again during rice growth. (2) The amount of bacteria, actinomycetes and activity of soil urease and acid phosphatase in the application fertilizer treatments significantly exceeded them in the control. But amount of fungi in the control significantly exceeded the fertilizer application treatments. (3) From booting to full heading stage, the amount of bacteria, actinomycetes, ammonifier, nitric acid bacteria and aerobic azotobacter and activity of soil urease and acid phosphatase of N₃ in the application fertilizer treatments were maximum, N₂ took second place, N₁ minimum. 【Conclusion】 Properly increasing the proportion of N supplies in the middle and late growth stage promoted the growth of bacteria, actinomycetes, ammonifier, nitric acid bacteria and aerobic azotobacter in the middle and late growth stage of the rice, thus improved activity of soil urease and acid phosphatase indirectly. All of these built up a nicer nutrition surrounding and matter basis for rapid growth of the rice.

Key words: rice; nitrogen application mode; soil microbe; ecological effect

土壤微生物是土壤的重要组成部分。根际土壤微生物可以非常迅速、活跃地参与养分循环和转化, 加快根际土壤中有有机磷、有机氮的分解及其他矿质元素的活化, 从而提高养分的有效性。根际土壤微生物的生长、死亡和矿化与植物生长之间的关系甚为密切^[1-3]。

目前, 有关水稻根际微生物区系、微生物生理类群、微生物生物量及酶活性的研究较多^[4-6], 但大多局限于水稻生长的某一时期, 而关于整个生育期水稻生长对土壤微生物和土壤酶活性的影响及其关系的研究较少^[7]。本研究测定了水稻各生育期根际土壤的微生物区系, 微生物生理类群数量, 微生物生物量 C、N 含量及酶活性, 以期揭示不同施 N 方式下水稻根际土壤微生物数量, 微生物生物量 C、N 含量及酶活性的变化规律, 阐明不同施 N 方式下水稻—土壤—微生物之间的协同作用机理, 为当前水稻科学施肥及促进土壤良性生态循环提供参考依据。

1 材料与方方法

1.1 供试材料

1.1.1 供试水稻 II 优航 2 号, 由福建省农业科学

院水稻研究所用不育系 II-32A 与恢复系航 2 号配组而成的三系中粳杂交水稻新组合。2007 年通过国家农作物品种审定【国审稻 2007020】, 并被农业部列为超级稻的杂交稻组合。

1.1.2 供试肥料 有机肥(畜禽粪, $m(N) : m(P_2O_5) : m(K_2O) = 0.538 : 0.174 : 0.229$)、尿素(N 460 g/kg)、氯化钾(K₂O 600 g/kg)、碳铵(N 171 g/kg)、钙镁磷肥(P₂O₅ 120 g/kg)和复合肥($m(N) : m(P_2O_5) : m(K_2O) = 12 : 5 : 8$)。

1.1.3 供试土壤 供试土壤基本理化性质: pH 4.9, 全氮 3.0 g/kg, 有效氮 126.7 mg/kg, 速效氮 17.2 mg/kg, 速效钾 58.4 mg/kg, 砂粒 286 g/kg, 粉粒 572 g/kg, 粘粒 168 g/kg。

1.2 试验设计

试验于 2006 年在福建尤溪县西城镇进行。于 03-09 播种, 04-18 移栽, 07-11 齐穗, 08-14 成熟。按基肥十分蘖肥与穗肥的施 N 比例(质量比)设 3 种处理, 即处理 N₁ 为 8 : 2, N₂ 为 7 : 3, N₃ 为 6 : 4, 以全生育期不施肥为空白对照(N₀)(表 1); 总施 N 量为 225 kg/hm², 基肥施用时间为 04-14, 以有机肥、尿素、氯化钾、复合肥作基肥, N₁、N₂、N₃ 处理的施

用量分别为 7 500,12.72,300,375 和 7 500,12.72,300,187.5 及 7 500,12.72,300,0 kg/hm²;分蘖肥施用时间分别为 04-17(碳铵、钙镁磷肥)、04-18(钙镁磷肥)和 04-24(复合肥),N₁、N₂、N₃ 3 个处理中等量施入各肥料,其施用量分别为 300,450,70 和 312.45 kg/hm²;穗肥施用时间为 06-01(复合肥),N₁、N₂ 和 N₃ 处理中复合肥的施用量分别为 375,562.5 和 750 kg/hm²。各处理随机区组排列,3 次重复,共计 12 个小区。小区面积 13.3 m²,栽植密度 30 丛/m²,每小区做田埂,作用是防止肥、水流失及相互渗漏。

表 1 不同处理水稻的 N 肥施用比例

Table 1 Nitrogen application of different treatments in rice

处理 Treatment	施 N 比例/% Nitrogen application	
	基肥+分蘖肥 Basal-tillering fertilizer	穗肥 Spike fertilizer
N ₀	0	0
N ₁	80	20
N ₂	70	30
N ₃	60	40

1.3 研究方法

1.3.1 土样采集 分别在水稻生长的移栽期(04-18)、分蘖期(05-02)、孕穗期(06-10)、齐穗期(07-11)、成熟期(08-14)取样,取样时在每小区中选择 2~3 丛典型水稻,掘出面积为 10 cm×10 cm、深度为 15 cm 的包含水稻根系的整块土壤样本,然后用塑料袋包住土壤部分,植物的地上部分仍保持原状,带回实验室,用药匙将附着在根上的土壤刮下,备用。

1.3.2 根际土壤微生物生物量 C 含量的测定^[8] 土壤微生物生物量 C 含量用氯仿熏蒸,0.5 mol/L K₂SO₄ 提取,TOC-500 自动分析仪测定。

1.3.3 根际土壤微生物生物量 N 含量的测定^[9]

土壤微生物生物量 N 含量用氯仿熏蒸,0.5 mol/L K₂SO₄ 提取,经消化用连续流动分析仪测定。

1.3.4 根际土壤微生物区系的测定^[10] 细菌培养采用葡萄糖牛肉膏蛋白胨培养基,放线菌培养采用淀粉硝酸钾培养基(高氏 1 号),真菌培养采用马丁孟加拉红培养基。细菌、真菌、放线菌计数采用稀释涂布平板法。微生物数量以每克土壤样品所含的菌数表示。每克土壤样品所含的菌数=同一个稀释度几次重复的菌落平均数×10×稀释倍数。

1.3.5 根际土壤微生物生理类群的测定^[10] 氨化细菌采用蛋白胨氨化培养基,硝酸细菌采用亚硝酸盐培养基,好气性自生固氮菌采用阿须贝无氮培养基,反硝化细菌采用反硝化细菌培养基,反硫化细菌采用斯塔克反硫化细菌培养基。

以上细菌的计数均采用最大或然计数法(MPN)。

1.3.6 根际土壤酶活性的测定^[11] 土壤中脲酶活性用苯酚钠比色法测定,酸性磷酸酶活性用磷酸苯二钠比色法测定。

1.4 统计分析方法

数据的整理及统计分析均用 Excel 2003 和 DPS 数据处理系统。

2 结果与分析

2.1 不同施 N 方式对土壤微生物生物量 C、N 含量的影响

微生物生物量 C 或 N 含量是评价土壤微生物参与土壤中 C、N 物质转化循环能力的重要指标,土壤微生物量可用其表征^[12]。不同施 N 方式对土壤微生物生物量 C、N 含量的影响见表 2。

表 2 不同施 N 方式下水稻根际土壤微生物生物量 C、N 含量的变化

Table 2 Changes in soil microbial metabolic biomass carbon and nitrogen in rice under the

conditions of different N application modes

mg/kg

项目 Item	处理 Treatment	移栽期 Transplanting	分蘖期 Tillering	孕穗期 Booting	齐穗期 Full heading	成熟期 Maturity
微生物生物量 C 含量 Microbial metabolic biomass carbon content	N ₀	274.78 d	334.85 d	114.36 c	184.86 c	213.07 b
	N ₁	514.83 a	625.46 a	274.85 b	324.85 b	385.50 a
	N ₂	468.75 b	564.35 b	276.71 b	326.71 b	390.67 a
	N ₃	412.92 c	534.18 c	315.58 a	365.58 a	392.82 a
微生物生物量 N 含量 Microbial metabolic biomass nitrogen content	N ₀	46.36 d	51.58 d	25.83 c	34.23 c	40.25 b
	N ₁	84.62 a	95.65 a	41.69 b	49.22 b	58.24 a
	N ₂	73.21 b	84.74 b	43.21 b	50.87 b	59.32 a
	N ₃	66.54 c	74.25 c	48.36 a	55.94 a	60.55 a

注:同列数据后标相同字母者表示差异不显著(P>0.05),标不同字母者表示差异显著(P<0.05)。下表同。

Note: The same letter in one row means no significant difference and different letters mean difference at 0.05 level. The same below.

由表 2 可知,无论是施肥还是不施肥,在整个生长期,水稻根际土壤微生物生物量 C、N 含量的变化趋势相似。根际土壤微生物生物量 C、N 含量在水稻移栽后先缓慢上升,到分蘖期均达到最大;随着水稻的生长均又逐渐下降,到孕穗期达最小值;之后随着水稻继续生长,均又逐渐增加。成熟期, N₀、N₁、N₂、N₃ 处理中,土壤微生物生物量 C、N 含量分别为移栽期的 77.54%,74.88%,83.34%,95.13% 和 86.82%,68.82%,81.02%,91%。

由表 2 还可知,在水稻各生育期,施肥处理土壤微生物生物量 C、N 含量均显著高于不施肥处理,说明施肥有利于提高土壤微生物生物量 C、N 含量。在移栽期、分蘖期,基肥+分蘖肥施 N 比例大的 N₁ 处理土壤微生物生物量 C、N 含量均最大,分别为 514.83,84.62 和 625.46,95.65 mg/kg, N₂ 处理次之, N₃ 处理最小,且 N₁、N₂、N₃ 处理间差异显著;在孕穗期、齐穗期,穗肥施 N 比例大的 N₃ 处理土壤微生物生物量 C、N 含量均最大,分别为 315.58,48.36

和 365.58,55.94 mg/kg, N₂ 处理次之, N₁ 处理最小, N₃ 与 N₁、N₂ 处理间差异显著,而 N₁ 与 N₂ 处理间差异不显著;在成熟期, N₃ 处理土壤微生物生物量 C、N 含量均最大,分别为 392.82 和 60.55 mg/kg,但其与 N₁、N₂ 处理间差异不显著。表明适当减少基肥+分蘖肥施 N 比例,增加穗肥施 N 比例,有利于水稻中、后期根际土壤微生物生长。

2.2 不同施 N 方式对土壤微生物区系的影响

由表 3 可以看出,无论是施肥还是不施肥,随着水稻生长,土壤细菌数量逐渐增加,到分蘖期达最高值,然后随着水稻继续生长,细菌数量趋于下降,到孕穗期达最小值,此时 N₀、N₁、N₂、N₃ 处理土壤细菌数量分别为移栽期的 67.93%,48.22%,54.86% 和 66.34%;之后随着水稻继续生长,土壤细菌数量又逐渐,到成熟期, N₀、N₁、N₂、N₃ 处理土壤细菌数量分别为移栽期的 90.30%,65.60%,73.20% 和 83.21%。

表 3 不同施 N 方式下水稻根际土壤微生物区系的变化

Table 3 Changes in soil microbial flora in rice under the conditions of different N application modes

项目 Item	处理 Treatment	移栽期 Transplanting	分蘖期 Tillering	孕穗期 Booting	齐穗期 Full heading	成熟期 Maturity
细菌/ ($\times 10^6 g^{-1}$) Bacteria	N ₀	62.36 d	113.51 d	42.36 c	51.87 c	56.31 b
	N ₁	151.21 a	204.22 a	72.92 b	82.11 b	99.19 a
	N ₂	137.34 b	185.23 b	75.35 b	82.69 b	100.53 a
	N ₃	123.92 c	172.96 c	82.21 a	90.84 a	103.12 a
真菌/ ($\times 10^4 g^{-1}$) Fungi	N ₀	52.32 a	36.32 a	20.06 a	26.89 a	42.28 a
	N ₁	32.53 c	22.14 c	16.95 b	20.73 b	31.11 b
	N ₂	36.48 c	25.46 c	16.62 b	20.10 b	32.24 b
	N ₃	40.24 b	29.71 b	13.65 c	15.07 c	30.60 b
放线菌/ ($\times 10^5 g^{-1}$) Actinomycetes	N ₀	47.16 c	60.85 d	21.56 c	34.17 c	39.64 c
	N ₁	92.62 a	119.37 a	46.13 b	53.45 b	59.61 b
	N ₂	80.23 b	106.47 b	48.65 b	56.89 b	61.18 ab
	N ₃	74.58 c	95.98 c	54.91 a	63.47 a	64.73 a

水稻根际土壤放线菌数量变化规律与细菌相似。随着水稻生长,各处理的放线菌数量逐渐增加,于分蘖期达最高值,然后随着水稻的继续生长,放线菌数量减少,在孕穗期达最小值,此时 N₀、N₁、N₂、N₃ 处理土壤放线菌数量分别为移栽期的 45.22%,46.57%,60.64% 和 73.63%;到成熟期, N₀、N₁、N₂、N₃ 处理土壤放线菌数量均增加,分别为移栽期的 84.05%,64.36%,76.26% 和 86.79%。

土壤中真菌数量的变化规律与细菌、放线菌不同。随着水稻生长, N₀、N₁、N₂ 和 N₃ 处理土壤真菌数量逐渐减少,在孕穗期达最小值,分别为移栽期的 38.34%,52.11%,45.56% 和 33.92%;然后随着水稻继续生长,真菌数量又增加,到成熟期 N₀、N₁、

N₂、N₃ 处理的土壤真菌数量均增加,分别为移栽期的 80.81%,95.63%,88.38% 和 76.04%。

由表 3 还可知,在水稻各生育期,施肥处理土壤细菌、放线菌数量均显著高于不施肥处理,而真菌数量显著低于不施肥处理,说明施肥有利于提高土壤细菌、放线菌数量,减少真菌数量。施肥处理间,移栽期、分蘖期以 N₁ 处理土壤细菌、放线菌数量最多,真菌数量最少,分别为 151.21×10^6 , 92.62×10^5 , 32.53×10^4 和 204.22×10^6 , 119.37×10^5 , $22.14 \times 10^4 g^{-1}$, 且 N₁ 与 N₂、N₃ 处理间差异显著;孕穗期、齐穗期以 N₃ 处理的土壤细菌、放线菌数量最多,而真菌数量最多,分别为 82.21×10^6 , 54.91×10^5 , 13.65×10^4 和 90.84×10^6 , $63.47 \times$

$10^5, 15.07 \times 10^4 \text{ g}^{-1}$, N_3 与 N_1 、 N_2 处理间差异显著, 而 N_1 与 N_2 处理间差异不显著; 成熟期以 N_3 处理土壤细菌、放线菌数量最多, 真菌数量最少, 分别为 $103.12 \times 10^6, 64.73 \times 10^5, 30.60 \times 10^4 \text{ g}^{-1}$, 但与其与 N_1 、 N_2 处理间差异不显著。表明适当减少水稻前期施 N 比例, 增加中、后期施 N 比例, 有利于水稻中、后期根际土壤细菌、放线菌的生长, 抑制真菌生长。

2.3 不同施 N 方式对土壤微生物生理类群的影响

根际土壤微生物生理类群的变化, 反映了根际土壤微生态的物质代谢能力。由表 4 可知, 无论是施肥还是不施肥, 在水稻整个生长期内, 土壤氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌的数量在水稻移栽后均逐渐增多, 到分蘖期达最大值; 然后随着水稻继续生长趋于下降, 到孕穗期均达最小值; 之后, 随着水稻继续生长均又逐渐增加。土壤中反硝化细菌、反硫化细菌数量变化规律与氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌不同。随着水稻生长, 各处理土壤反硝化细菌、反硫化细菌数量逐渐减少, 在孕穗期达最小值; 然后随着水稻继续生长, 均又逐渐增加。

由表 4 还可知, 在水稻各生育期, 施肥处理土壤

氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌数量均显著高于不施肥处理高, 而反硝化细菌、反硫化细菌数量均显著低于不施肥处理。说明施肥有利于提高土壤氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌数量, 则减少了反硝化细菌、反硫化细菌数量。施肥处理间, 移栽期、分蘖期以 N_1 处理土壤氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌数量最大, 反硝化细菌、反硫化细菌数量却最少, 且 N_1 、 N_2 、 N_3 处理间差异显著; 孕穗期、齐穗期以 N_3 处理土壤氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌数量最多, 而反硝化细菌、反硫化细菌数量最少, 且 N_3 与 N_1 、 N_2 处理间差异显著; 成熟期以 N_3 处理土壤氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌数量最多, 反硝化细菌、反硫化细菌数量最少, 但与其与 N_1 、 N_2 处理间差异不显著。表明适当减少水稻前期施 N 比例, 增加中、后期施 N 比例, 有利于水稻中、后期根际土壤氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌的生长, 抑制反硝化细菌、反硫化细菌的生长, 加强了土壤的氨化作用、固氮作用和硝化作用, 减弱反硝化作用和反硫化作用, 从而加快了土壤氮素的代谢与利用, 减少了氮素损失, 有利于土壤碳和硫等营养元素的循环。

表 4 不同施 N 方式下水稻根际土壤微生物生理类群数量的变化

Table 4 Changes in the cultivated microbial physiological flora in rice under the conditions of different N application modes

项目 Item	处理 Treatment	移栽期 Transplanting	分蘖期 Tillering	孕穗期 Booting	齐穗期 Full heading	成熟期 Maturity
氨化细菌/ ($\times 10^6 \text{ g}^{-1}$) Ammonifier	N_0	9.92 d	26.57 d	5.34 d	6.81 c	8.23 b
	N_1	26.38 a	65.96 a	11.13 c	13.21 b	18.23 a
	N_2	23.02 b	59.73 b	12.75 b	15.32 b	18.56 a
	N_3	20.31 c	53.29 c	15.56 a	16.98 a	18.82 a
硝酸细菌/ ($\times 10^3 \text{ g}^{-1}$) Ntric acid bacteria	N_0	9.32 d	16.65 d	5.34 d	6.81 c	8.23 b
	N_1	20.87 a	30.92 a	8.17 c	10.69 b	13.87 a
	N_2	18.15 b	27.53 b	9.02 b	10.85 b	13.95 a
	N_3	16.47 c	24.31 c	10.23 a	12.38 a	14.09 a
好气性自生固氮菌/ ($\times 10^2 \text{ g}^{-1}$) Aerobic azotobacter	N_0	18.65 c	60.85 d	6.87 d	9.66 d	14.13 b
	N_1	35.82 a	79.25 a	10.73 c	13.52 c	22.36 a
	N_2	31.62 b	71.09 b	12.65 b	16.10 b	22.44 a
	N_3	27.12 c	63.50 c	15.19 a	18.65 a	23.11 a
反硝化细菌/ ($\times 10^5 \text{ g}^{-1}$) Denitrifier	N_0	20.16 a	16.78 a	11.54 a	13.77 a	18.30 a
	N_1	11.33 d	7.16 d	5.84 b	8.92 b	13.74 b
	N_2	13.98 c	9.55 c	5.72 b	8.89 b	13.61 b
	N_3	16.23 b	11.63 b	4.12 c	7.47 c	13.34 b
反硫化细菌/ ($\times 10^3 \text{ g}^{-1}$) Desulphate reducer	N_0	17.45 a	13.82 a	8.17 a	12.67 a	15.98 a
	N_1	10.18 d	6.65 d	5.86 b	7.19 b	13.11 b
	N_2	12.34 c	8.38 c	5.82 b	7.15 b	13.08 b
	N_3	14.66 b	10.54 b	3.71 c	5.06 c	13.02 b

2.4 不同施 N 方式对土壤脲酶、酸性磷酸酶活性的影响

脲酶是一种酰胺酶, 直接参与尿素的形态转化, 能催化有机质分子中肽键的水解。脲酶活性与土壤

微生物数量、有机质含量、全氮和速效氮含量呈正相关^[6]。磷酸酶是土壤中广泛存在的一种水解酶, 能催化磷酸酯的水解反应, 与有机磷的矿化及植物营养关系密切, 根际土壤磷酸酶可以表征根际土壤磷

的状况。由表 5 可以看出,无论是施肥还是不施肥,在水稻整个生长期内,土壤脲酶和酸性磷酸酶活性的变化趋势均相似,即酶活性在水稻移栽后均逐渐增强,到孕穗期达最大值;然后随着水稻继续生长,酶活性趋于下降,至成熟期达最小值。表明在移栽

期,水稻生长缓慢,根际土壤脲酶、酸性磷酸酶活性相对较低。分蘖期、孕穗期是水稻生长最旺盛阶段,也是土壤酶活性最强的时期。此时水稻根系将分泌出更多的有机酸和碳水化合物,进而刺激相关酶的活性。

表 5 不同施 N 方式下水稻根际土壤脲酶、酸性磷酸酶活性的变化

Table 5 Changes in soil urease and acid phosphatase in the first crop of ratoon rice under the conditions of different N application modes

项目 Item	处理 Treatment	移栽期 Transplanting	分蘖期 Tillering	孕穗期 Booting	齐穗期 Full heading	成熟期 Maturity
脲酶(NH ₃ -N)/ (mg · g ⁻¹ · d ⁻¹) Urease	N ₀	0.24 d	0.28 d	0.35 c	0.22 c	0.18 c
	N ₁	0.60 a	0.73 a	0.97 b	0.55 b	0.40 a
	N ₂	0.56 b	0.66 b	0.98 b	0.57 b	0.41 a
	N ₃	0.53 c	0.60 c	1.15 a	0.69 a	0.42 a
酸性磷酸酶(phenol)/ (mg · g ⁻¹ · d ⁻¹) Acid phosphatase	N ₀	0.81 d	1.18 d	1.38 c	0.72 c	0.53 b
	N ₁	1.31 a	1.86 a	2.72 b	1.09 b	1.04 a
	N ₂	1.20 b	1.71 b	2.77 b	1.12 b	1.06 a
	N ₃	1.06 c	1.61 c	2.99 a	1.21 a	1.06 a

由表 5 还可知,在水稻各生育期,施肥处理的土壤脲酶、酸性磷酸酶活性均显著高于不施肥处理,说明施肥有利于增强根际土壤脲酶、酸性磷酸酶活性。施肥处理间,移栽期、分蘖期以 N₁ 处理的土壤脲酶、酸性磷酸酶活性最强,分别为 0.60, 1.31 和 0.73, 1.86 mg/(g · d); N₂ 处理次之; N₃ 处理最小,且 N₁、N₂、N₃ 处理间差异显著。孕穗期、齐穗期以 N₃ 处理土壤脲酶、酸性磷酸酶活性最强,分别为 1.15, 2.99 和 0.69, 1.21 mg/(g · d); N₂ 处理次之; N₁ 处理最小, N₃ 与 N₁、N₂ 处理间差异显著,而 N₁ 与 N₂ 处理间差异不显著。成熟期以 N₃ 处理的土壤脲酶、酸性磷酸酶活性最强,分别为 0.42 和 1.06 mg/(g · d),但其与 N₁、N₂ 处理间差异不显著。表明适当减少水稻前期施 N 比例,增加中、后期施 N 比例,有利于增强水稻中、后期土壤脲酶、酸性磷酸酶活性。

3 结论与讨论

根际土壤微生物对植物的生长、土壤结构与肥力维持以及营养元素流动起着重要作用。土壤酶活性是反映土壤肥力的有效生物学指标,研究表明,脲酶与尿素水解密切相关,其活性对提高氮肥利用率具有重要意义^[13-14]。酸性磷酸酶可加速土壤有机磷脱磷速度,提高土壤磷素的有效性^[15-16],是评价土壤磷素生物转化方向的重要指标。

本研究分别测定了水稻根际土壤微生物区系数、微生物生理类群数量、生物量 C、N 含量及酶活性,结果表明,无论是施氮还是不施氮,在整个水稻

生长期中,各处理水稻根际土壤微生物生物量 C、N 含量,土壤微生物区系,微生物生理类群及土壤脲酶、酸性磷酸酶活性变化趋势相似;土壤细菌、放线菌、土壤氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌数量和微生物生物量 C、N 含量在水稻移栽后均缓慢上升,到分蘖期达到最大;然后随着水稻的生长而均逐渐下降,到孕穗期达最小值;之后随着水稻继续生长,均又逐渐增加。根际土壤脲酶、酸性磷酸酶活性在水稻移栽后均逐渐增强,到孕穗期达最大值;然后随着水稻继续生长,土壤脲酶、酸性磷酸酶活性均趋于下降,到成熟期达最小值。随着水稻生长,各处理的土壤真菌、反硝化细菌、反硫化细菌数量均逐渐减少,在孕穗期达最小值;然后随着水稻继续生长均又增加。这可能是由于水稻移栽后,水稻根系处于恢复和扎根阶段,生长较慢,对土壤养分的吸收能力弱,根系分泌物也少,水稻根系对土壤的影响很小,有利于促进土壤细菌、放线菌、氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌的生长,脲酶、酸性磷酸酶活性也相对较低。孕穗期,水稻地上部分生长快,地下部分正处于扩根期,既是水稻生长最旺盛的阶段,又是水稻根系将分泌出更多有机酸和碳水化合物的阶段,进而刺激相关酶的活性,因此在该土壤酶活性最强,但此时根际土壤微生物的活动,却由于水稻根系竞争营养元素而受到一定的抑制,从而可能导致根际土壤细菌、放线菌、氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌数量及微生物生物量 C、N 含量减少;齐穗期、成熟期,水稻生长基本完成,根系逐渐衰老,分泌物减少,吸收能力下降,对微生物的抑制作用也减

弱,根际土壤微生物数量及微生物生物量 C、N 含量均略有增加,而土壤酶活性却下降。

本研究结果表明,在水稻各生育期,施肥处理土壤细菌和放线菌数量,微生物生物量 C、N 含量及土壤脲酶、酸性磷酸酶活性均显著高于不施肥处理,而施肥处理土壤真菌数量均显著低于不施肥处理,说明施肥有利于土壤细菌、放线菌的生长,提高微生物生物量 C、N 含量及酶活性,而抑制真菌生长。

本研究中,施肥处理间,孕穗期、齐穗期、成熟期以 N_3 处理的土壤细菌、放线菌、氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌数量和微生物生物量 C、N 含量最大,且脲酶、酸性磷酸酶活性最强,真菌、反硝化细菌、反硫化细菌数量最少,但在孕穗期、齐穗期, N_3 与 N_1 、 N_2 处理间差异显著;在成熟期, N_3 与 N_1 、 N_2 处理间差异不显著。表明适当减少水稻前期施 N 比例,增加中、后期施 N 比例,有利于促进水稻中、后期根际土壤细菌、放线菌、氨化细菌、硝酸细菌、好气性自生固氮菌的生长,间接地提高了根际土壤中脲酶、磷酸酶的活性,从而保证了水稻根际土壤中碳、氮、磷等营养元素的良好利用与循环,为水稻植株的快速生长创造了良好的根际营养环境和物质基础。

[参考文献]

[1] 李卓棣. 当代土壤微生物学的活跃研究领域 [J]. 土壤学报, 1993, 30(3): 229-236.
Li F D. Prosperous areas of current soil microbiology [J]. Acta Pedologica Sinica, 1993, 30(3): 229-236. (in Chinese)

[2] Singh J S, Raghubanshi A S, Singh R S, et al. Microbial biomass acts as a source of plant nutrients in dry tropical forest and Savanna [J]. Nature, 1989, 338: 499-500.

[3] Speir T W, Ross D J, Orchard V A. Spatial variability of biochemical properties in a taxonomically-uniform soil under grazed pasture [J]. Soil Biology & Biochemistry, 1984, 16: 2, 153-160.

[4] 朱海平, 姚槐应, 张勇勇, 等. 不同培肥管理措施对土壤微生物生态特征的影响 [J]. 土壤通报, 2003, 34(1): 140-142.
Zhu H P, Yao H Y, Zhang Y Y, et al. Effect of fertilizer system on soil microbial ecology [J]. Chinese Journal of Soil Science, 2003, 34(1): 140-142. (in Chinese)

[5] 张奇春, 王光火, 方 斌. 不同施肥处理对水稻养分吸收和稻田土壤微生物生态特性的影响 [J]. 土壤学报, 2005, 42(1): 116-121.

Zhang Q C, Wang G H, Fang B. Influence of fertilization treatment on nutrients uptake by rice and soil ecological characteristics of soil microorganism in paddy field [J]. Acta Pedologica Sinica, 2005, 42(1): 116-121. (in Chinese)

[6] 汪 华, 杨京平, 徐 伟, 等. 分次施氮对水稻根际土壤微生物生态效应的影响 [J]. 水土保持学报, 2006, 20(4): 123-126.
Wang H, Yang J P, Xu W, et al. Ecological effect of nitrogen fertilizer with split application on rice rhizosphere microbes in paddy field [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 20(4): 123-126. (in Chinese)

[7] 曾路生, 廖 敏, 黄昌勇, 等. 水稻不同生育期的土壤微生物量和酶活性的变化 [J]. 中国水稻科学, 2005, 19(5): 441-446.
Zeng L S, Liao M, Huang C Y, et al. Variation of soil microbial biomass and enzyme activities at different developmental stages in rice [J]. Chinese J Rice Sci, 2005, 19(5): 441-446. (in Chinese)

[8] Vance E D, Brookes P C, Jenkinson D S. An extraction method for measuring soil microbial biomass C [J]. Soil Biology & Biochemistry, 1987, 19: 703-707.

[9] Brookes P C, Landman A, Pruden G. Chloroform fumigation and the release of soil nitrogen: A rapid extraction method to measure microbial biomass nitrogen in soil [J]. Soil Biol Biochem, 1985, 17(6): 837-842.

[10] 钱存柔, 黄仪秀. 微生物学实验教程 [M]. 北京: 北京大学出版社, 1999: 53-71.
Qian Q R, Huang Y X. Microbiological experiment course [M]. Beijing: Press of Peking University, 1999: 53-71. (in Chinese)

[11] 关松荫, 张德生, 张志明. 土壤酶及其研究法 [M]. 北京: 农业出版社, 1986. 274-339.
Guan S Y, Zhang D S, Zhang Z M. Soil enzyme and methodology [M]. Beijing: Agriculture press, 1986: 274-339. (in Chinese)

[12] Nannipieri P, Muccini L, Ciardi C. Microbial biomass and enzyme activities, production and persistence [J]. Soil Biol Biochem, 1983, 15(1): 679-685.

[13] Cookson P, Lepiece A G. Urease enzyme activities in soils of the Batinah region of the Sultanate of man [J]. J Arid Environ, 1996, 32: 225-238.

[14] Klose S, Tabatabai M A. Urease activity of microbial biomass in soils [J]. Soil Biol Biochem, 1999, 31: 205-211.

[15] Pascual J A, Moreno J L, Hernandez T, et al. Persistence of immobilized and total urease and phosphatase activities in a soil amended with organic wastes [J]. Bioresource Tech, 2002, 82: 73-78.

[16] Cesare F D, Garzillo A M V, Buonocore V. Use of sonication for measuring acid phosphatase activity in soil [J]. Soil Biol Biochem, 2000, 32: 825-832.